

GenCore version 5.1.3
Copyright (c) 1993 - 2002 Compugen Ltd.

OM protein - protein search, using sw model

Run on: December 19, 2002, 14:59:02 ; Search time 38 seconds
(without alignments)
3074.440 Million cell updates/sec

Title: US-08-813-323b-1

Perfect score: 2994
Sequence: 1 MESSKMDAAGTLQNPPLK.....IKDPIFKIVYDSDLDP 567

Scoring table: BLOSUM62
Gapop 10.0 , Gapext 0.5

Searched: 671580 seqs, 206047115 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 671580

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database :

SPREMBL_21.*
1: sp_archaea:*
2: sp_bacteria:*
3: sp_fungi:*
4: sp_human:*
5: sp_invertebrate:*
6: sp_mammal:*
7: sp_mhc:*
8: sp_organelle:*
9: sp_phage:*
10: sp_plant:*
11: sp_rodent:*
12: sp_virus:*
13: sp_vertebrate:*
14: sp_unclassified:*
15: sp_virus:*
16: sp_bacteriophage:*
17: sp_archaeophages:

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	1243	41.5	558	11	Q61480 mus musculu
2	1243	41.5	558	11	P70191 mus musculu
3	1189.5	39.7	557	4	O00463 mus musculu
4	832	27.8	508	11	O54896 mus musculu
5	727.5	24.3	447	4	O96NR2 mus musculu
6	708	23.6	501	13	O90WT6 mus musculu
7	560.5	18.7	470	4	O9B0U4 mus musculu
8	556.5	18.6	470	4	O14848 mus musculu
9	548	18.3	522	4	O9Y4K3 mus musculu
10	535	17.9	530	11	P70196 mus musculu
11	523.5	17.5	462	5	O9BIW7 mus musculu
12	523.5	17.5	509	5	O62248 mus musculu
13	521.5	17.4	470	11	O61382 mus musculu
14	500	16.7	412	5	O9UAC5 mus musculu
15	500	16.7	486	5	O9XVR0 mus musculu
16	434.5	14.5	352	6	O95LR1 macaca fasc

17	291	9.7	296	12	O80UJ9	O80UJ9 infectious
18	287	9.6	452	5	O860H6	O860H6 drosophila
19	274.5	9.2	475	5	O9UAC4	O9UAC4 drosophila
20	272.5	9.1	463	5	O9XYQ9	O9XYQ9 drosophila
21	272.5	9.1	475	5	O9W319	O9W319 drosophila
22	263	8.8	395	5	O9VXG5	O9VXG5 drosophila
23	206.5	6.9	198	4	O75615	O75615 homo sapien
24	205	6.8	360	4	O96CC2	O96CC2 homo sapien
25	204.5	6.8	1063	11	O90Y55	O90Y55 mus musculu
26	204	6.8	1098	4	O9UP07	O9UP07 mus musculu
27	203	6.8	239	11	O9CQ29	O9CQ29 mus musculu
28	203	6.8	594	4	O9H073	O9H073 mus musculu
29	199	6.6	594	11	O922B6	O922B6 mus musculu
30	185	6.2	528	13	O91885	O91885 xenopus lae
31	182.5	6.1	335	5	O9N586	O9N586 mus musculu
32	176	5.9	891	4	O9Y2K3	O9Y2K3 homo sapien
33	167	5.6	33	4	O9UNL1	O9UNL1 homo sapien
34	165	5.5	626	11	O922N9	O922N9 mus musculu
35	157.5	5.3	671	11	O8R205	O8R205 mus musculu
36	157.5	5.3	713	13	O9YND6	O9YND6 rana caesi
37	156.5	5.2	1210	11	O91VW5	O91VW5 mus musculu
38	156.5	5.2	2238	11	O70365	O70365 mus musculu
39	155.5	5.2	609	13	O92021	O92021 xenopus lae
40	155	5.2	390	5	O9VSW7	O9VSW7 drosophila
41	155	5.2	846	4	O75130	O75130 homo sapien
42	155	5.2	1676	10	O23332	O23332 arabidopsis
43	154	5.1	410	16	O8XUL3	O8XUL3 clostridium
44	154	5.1	1938	13	O91BD7	O91BD7 seriola dum
45	153.5	5.1	1937	13	O91BD4	O91BD4 gallus gall

ALIGNMENTS

RESULT 1
ID O61480 PRELIMINARY; PRT; 558 AA.
AC O61480;
DT 01-NOV-1996 (TREMBLrel. 01, Created)
DT 01-NOV-1996 (TREMBLrel. 01, Last sequence update)
DT 01-JUN-2002 (TREMBLrel. 21, Last annotation update)
DE TRAF5.
GN TRAF5.
OS Mus musculus (Mouse).
OC Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
OX NCBI_TaxID=10090;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC STRAIN=BALB/C;
RX MEDLINE=96278943; PubMed=8663299;
RA Nakano H., Oshima H., Chung W., Williams-Abbott L., Ware C.F.,
RA Yagita H., Okumura K.,
RT "TRAF5, an activator of NF-kappaB and putative signal transducer for
RT the lymphotoxin-beta receptor.",
RL J. Biol. Chem. 271:14661-14664(1996).
CC -1- SIMILARITY: CONTAINS 1 RING-TYPE ZINC FINGER.
DR EMBL: D78141; BAA11218.1;
DR MGD; MGI:107548; Traf5.
DR InterPro: IPR002083; MATH.
DR InterPro: IPR003007; TRAF.
DR InterPro: IPR001841; znf_ring.
DR InterPro: IPR001293; znf-TRAF.
DR Pfam: PF000917; MATH; 1.
DR Pfam: PF000927; znf-TRAF; 2.
DR Pfam: PF02176; znf-TRAF; 2.
DR SMART: SM00061; MATH; 1.
DR SMART: SM00184; RING; 1.
DR PROSITE: PS00518; znf_RING_1; 1.
DR zinc-finger.
SQ SOURCE 558 AA; 64154 MW; D85F486746225042 CRC64;
Query Match 41.5%; Score 1243; DB 11; Length 558;

Best Local Similarity 43.2%, Pred. No. 8.5e-70;
Matches 237; Conservative 106; Mismatches 158; Indels 48; Gaps 8;

```

41 KEVTVEDKYKCEKRLVLCNPKQTEGHRFCESCMALLS-SSSPKCTACQESITIKDKV 99
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 34 QVEDELEERYKCAFCCHSVLHNPHTQCGGHRFCQOCIRSLRELNSVPICPVDKEVIKPEV 93
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 100 FKDNCKREIILALQVYCRNREGCAEOLITGLHLVHLKNECOFEELPCLRADCKEYLRK 159
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 94 FKDNCKREVLNLHYCKN-APGCNARILILGRFQDHLQ-CSFOAVPCPNESCRAEMLRK 151
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 160 DLRDHVEKACKYREATCSCKSQVPMIKQKHEDDPCPVYSCPHKCSVOTLRLSELISA 219
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 152 DYKEHLISAYCRREKCLYCKRDIVVTNLQDHEHNSCPAYPVSCPNC-VQTIIPRAVNE 210
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 220 HLSECVNAPSTCSFKRYGCVFQGTNOQIKAHASSAVOHVNLKEMNSLEKVSLLONE 279
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 211 HLTVCEALQDCPFKHYGCTVKGKGNLLEHERALQDHLMLVLEKNVQLBQRISDLVQS 270
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 280 SVEKNKSIQSLHNOICSEFIEIEROKEMLRN-----ESKTIHLQ 319
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 271 LEQKESKIQOIAETVYKFEKELKQFTOMFGNGTFLSNVQALTSHTDKSAMLEAOVRHL 330
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 320 RVIDSQAEKLEKDKETIRFRONWMEADSMKSSVESLQNRVTELSVDKSAGQARNTGL 379
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 331 QIVNQPSRL-----DLRSLVADVSVKORITQLEASD-----QRLVL 368
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 380 LESQLSRHDOQLSLVDRLADMDLRFQVLETASYNGVLIIWKIRDKRRKQEAVMGKTLSL 439
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 369 LEBETSKHDAHINIHKAOINKNEERFKLEGACYSGKLIWKYDYVKKREAVEGHTVSY 428
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 440 YSPFTTGYFGYKMCARVNLNGDMGKGMHLSLFYIMGEVDALLPMPFKQKVTLMMD 499
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 429 FSPFTYSRCGYKLCARVNLNGDSGKGMHLSLFYIMGEVDALLPMPFKQKVTLMMD 488
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 500 QGSSRRHLGDAFPDNNSSFKPKTEGEMNIASGCPVFAQTVLEN--GTIYINDDTIFIKV 557
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 489 QSGKKNHIVETFKADNSSFRRPDEMNIAISGCPRFVSHSTLENKNTIYINDTLFLKV 548
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 558 IVDTSLLPD 566
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 549 AVDLTDLED 557
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

RESULT 2

```

P70191 PRELIMINARY; PRT; 558 AA.
AC P70191;
DT 01-FEB-1997 (TREMBLrel. 02, Created)
DT 01-FEB-1997 (TREMBLrel. 02, Last sequence update)
DT 01-JUN-2002 (TREMBLrel. 21, Last annotation update)
DE TRAF5 (Similar to TNF receptor-associated factor 5).
GN TRAF5.
OS Mus musculus (Mouse).
OC Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
OX NCBI_TaxID=10090;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RX MEDLINE=96382484; PubMed=8790348;
RA Ishida T., Tojo T., Aoki T., Kobayashi N., Ohishi T., Watanabe T.,
RA Yamamoto T., Inoue J.;
RT "TRAF5, a novel tumor necrosis factor receptor-associated factor
RT family protein, mediates CD40 signaling."
RL Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 93:9437-9442(1996).
RN [2]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RX TISSUE-COLON;
RA Strausberg R.;
RL Submitted (Aug-2001) to the EMBL/GenBank/DBJ databases.
CC EMBL; D83528; BAA1942.1; -.
DR EMBL; BC012702; AAH12702.1; -.

```

```

DR MGD; MGI:107548; TRAF5.
DR InterPro; IPR002083; MATH.
DR InterPro; IPR003007; TRAF.
DR InterPro; IPR001841; znf_ring.
DR InterPro; IPR001293; znf_traf.
DR Pfam; PF00917; MATH; 1.
DR Pfam; PF00097; zf-TRAF; 1.
DR Pfam; PF02176; zf-TRAF; 2.
DR SMART; SM00061; MATH; 1.
DR SMART; SM00184; RING; 1.
DR PROSITE; PS00518; ZF_RING_1; 1.
KW Receptor; zinc-finger.
SO SEQUENCE 558 AA; 64145 MW; 48F64FB83BD57E5 CRC64;

```

Query Match 41.5%; Score 1243; DB 11; Length 558;
Best Local Similarity 44.7%; Pred. No. 8.5e-70;
Matches 239; Conservative 108; Mismatches 168; Indels 20; Gaps 9;

```

41 KEVTVEDKYKCEKRLVLCNPKQTEGHRFCESCMALLS-SSSPKCTACQESITIKDKV 99
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 34 QVEDELEERYKCAFCCHSVLHNPHTQCGGHRFCQOCIRSLRELNSVPICPVDKEVIKPEV 93
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 100 FKDNCKREIILALQVYCRNREGCAEOLITGLHLVHLKNECOFEELPCLRADCKEYLRK 159
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 94 FKDNCKREVLNLHYCKN-APGCNARILILGRFQDHLQ-CSFOAVPCPNESCRAEMLRK 151
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 160 DLRDHVEKACKYREATCSCKSQVPMIKQKHEDDPCPVYSCPHKCSVOTLRLSELISA 219
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 152 DYKEHLISAYCRREKCLYCKRDIVVTNLQDHEHNSCPAYPVSCPNC-VQTIIPRAVNE 210
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 220 HLSECVNAPSTCSFKRYGCVFQGTNOQIKAHASSAVOHVNLKEMNSLEKVSLLONE 279
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 211 HLTVCEALQDCPFKHYGCTVKGKGNLLEHERALQDHLMLVLEKNVQLBQRISDLVQS 270
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 280 SVEKNKSIQSLHNOICSEFIEIEROKEMLRNNEKIIHLQVINDSQAEKLEKDKETIRPF 339
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 271 LEQKESKIQOIAETVYKFEKELKQFTOMFGNGTFLSNVQALTSHTDKSAMLEAOVRHL 330
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 340 RQ-NWE-----EADSMKSSVESLQNRVTELSVDKSAGQARNTGLLESQLSRHDOQLSV 393
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 330 IQIVNQPSRLDLRSLVADVSVKORITQLEASD-----QRLVLLEGTSKDAHINI 382
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 394 HDRLADMDLRFQVLETASYNGVLIIWKIRDKRRKQEAVMGKTLSISQPTTYGFGYK 453
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 383 HKAOINKNEERFKLEGACYSGKLIWKYDYVKKREAVEGHTVSYSPFTYSRCGYRL 442
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 454 CARVNLNGDMGKGMHLSLFYIMGEVDALLPMPFKQKVTLMMDQSSRRHLGDAFKP 513
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 443 CARAVNLNGDSGKGMHLSLFYIMGEVDALLPMPFKQKVTLMMDQSSRRHIVETFK 502
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 514 DNNSSFKPKTEGEMNIASGCPVFAQTVLEN--GTIYINDDTIFIKVIVDTSLLPD 566
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 503 DNNSSFKRPDEMNIAISGCPRFVSHSTLENKNTIYINDTLFLKVAVDLTDLED 557
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

RESULT 3

```

000463 PRELIMINARY; PRT; 557 AA.
AC 000463;
DT 01-JUL-1997 (TREMBLrel. 04, Created)
DT 01-NOV-1998 (TREMBLrel. 08, Last sequence update)
DT 01-JUN-2002 (TREMBLrel. 21, Last annotation update)
DE TRAF5 (TNF receptor associated factor 5).
GN Homo sapiens (Human).
OC Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Homnidae; Homo.
OX NCBI_TaxID=9606;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RX MEDLINE=96172745; PubMed=9511754;
RA Mizushima S., Fujita M., Ishida T., Azuma S., Kato K., Hirai M.,
RA Otsuka M., Yamamoto T., Inoue J.;
RT "Cloning and characterization of a cDNA encoding the human homolog of

```

RT Tumor necrosis factor receptor-associated factor 5 (TRAF5).";
 RL Gene 207:135-140(1998).
 RN [2]
 RP SEQUENCE OF 20-557 FROM N.A.
 RX MEDLINE=97321041; PubMed=9177772;
 RA Nakano H., Shindo M., Yamada K., Yoshida M.C., Santee S.M., Ware C.F.,
 RA Jenkins N.A., Gilbert D.J., Yagita H., Copeland N.G., Okumura K.,
 RT "Human TNF receptor-associated factor 5 (TRAF5): cDNA cloning,
 RT expression and assignment of the TRAF5 gene to chromosome 1q32.";
 RL Genomics 42:36-32(1997).
 CC -1- SIMILARITY: CONTAINS 1 RING-TYPE ZINC FINGER.
 DR EMBL: AB00509; BAA25262.1; -
 DR EMBL: U69108; AAC51329.1; -
 DR InterPro: IPR002083; MATH.
 DR InterPro: IPR003007; TRAF.
 DR InterPro: IPR001841; ZnF_fing.
 DR InterPro: IPR001293; ZnF_TRAF.
 DR Pfam: PF00917; MATH; 1.
 DR Pfam: PF00097; zf-C3HC4; 1.
 DR Pfam: PF02176; zf-TRAF; 2.
 DR SMART: SM00061; MATH; 1.
 DR SMART: SM00184; RING; 1.
 DR PROSITE: PS00518; ZF_RING_1; 1.
 KW Zinc-finger.
 SQ SEQUENCE 557 AA; 64405 MW; 86EB3724CE111176 CRC64;
 Query Match 39.7%; Score 1189.5; DB 4; Length 557;
 Best Local Similarity 43.4%; Pred. No. 1.8e-66;
 Matches 232; Conservative 112; Mismatches 170; Indels 21; Gaps 9;
 QY 41 KEVKTEDEKCYKRCRLVLCNPKQTEGHRFCSCMAALLS-SSSPKCTAQESIIIDKY 99
 DB 34 QFVERLERYKCARCHSHVNLNPHQTCGHRFCQICLSRLNIVPLCPVDKVIKQEV 93
 QY 100 FKDNCKREIILQYVCNBERGCAEQLTGLVHLKNEQFEELPCLRADCKEYLRK 159
 DB 94 FKDNCKREIILQYVCNBERGCAEQLTGLVHLKNEQFEELPCLRADCKEYLRK 151
 QY 160 DLRDHVEKACKYREATCSHCKSQVPMIKQKHEDTDCPCVVVSCPHKCSVQTLRSLSA 219
 DB 152 DLKELHLSASCFRKEKCKKQVYVNLQNHENLCPREYVFCPNMCA-KIILKTEYDE 210
 QY 220 HLSECVNAPSTCSFRKRGCVFQGNQITKAHEASSAVQHVNLKEMWSLEKRVSLDNE 279
 DB 211 HLAVCPEAEODCPFKHYCAVTDKRRNLOQHNSALREHMLVLEKNVQLEQISDLKHS 270
 QY 280 SVEKNKSTOSLHNOICSEFIEIEROKEMLRNNEKSLIHLQVVIDSOAKELKELDRPF 339
 DB 271 LEQESKIQQLAETIKLEKEFKQPAOLFNGKSGFLPNIQ-VFASHIDKSAMLEAQVHOL 329
 QY 340 -----RNMEEADSMKSSVESLQNRVTELESVDKSAGQAARNGLLESQLSRHDOITLV 393
 DB 330 LQVNOQONKFDLRPLMEAVDVTQKITLLEND-----QLAVLEEEENKIDHTINI 382
 QY 394 HDIRLADMDLFOVLETAHYVGLIMKIRDYKRRKQEAVMGKTLISYQPPYTGFGYKYM 453
 DB 383 HKADLSKKEERFKLLEGVCYNGKILMKVTDYKMKKREAVVGHVTSISQSFYTSRCGYRL 442
 QY 454 CARVYLDGNGKGTHTLSLFVIMRGEYDALPMPFKOKYTLMLMDQSSSRHHGDGAFK 513
 DB 443 CARVYLDGNGKGTHTLSLFVIMRGEYDALPMPFKOKYTLMLMDQSSSRHHGDGAFK 501
 QY 514 DPNSSSEFKPTGEMNIASGCPVFAQVTVLEN--GTIYIKDTIFIKVIVDTSJLPD 566
 DB 502 DPNSSSEFKPTGEMNIASGCPVFAVSHVLENAKNAIYIKDITLFLKVAIVDLTLED 556
 RESULT 4
 ID 054896 PRELIMINARY; PRT; 508 AA.
 AC 054896;
 DT 01-JUN-1998 (TReMBLrel. 06, Created)
 DT 01-JUN-1998 (TReMBLrel. 06, Last sequence update)

DT 01-JUN-2002 (TReMBLrel. 21, Last annotation update)
 DE Tumor necrosis factor receptor associated factor 2A.
 GN TRAF2A.
 OS Mus musculus (Mouse).
 OC Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
 OC Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathu; Muridae; Murinae; Mus.
 OX NCBI_TaxID=10090;
 RN [1]
 RP SEQUENCE FROM N.A.
 RC STRAIN=C57BL/6; TISSUE=KIDNEY;
 RX MEDLINE=98129826; PubMed=9461607;
 RA Brink R., Lodish H.F.;
 RT "Tumor necrosis factor receptor (TNFR)-associated factor 2A (TRAF2A),
 RT a TRAF2 splice variant with an extended RING finger domain that
 RT inhibits TNFR2-mediated NF-kappaB activation.";
 RL J. Biol. Chem. 273:4129-4134(1998).
 CC -1- SIMILARITY: CONTAINS 1 RING-TYPE ZINC FINGER.
 DR EMBL: AF027570; AAC53545.1; -
 DR HSSP: P12351; 1HMT.
 DR InterPro: IPR002083; MATH.
 DR InterPro: IPR003007; TRAF.
 DR InterPro: IPR001841; ZnF_fing.
 DR InterPro: IPR001293; ZnF_TRAF.
 DR Pfam: PF00917; MATH; 1.
 DR Pfam: PF00097; zf-C3HC4; 1.
 DR Pfam: PF02176; zf-TRAF; 2.
 DR SMART: SM00061; MATH; 1.
 DR SMART: SM00184; RING; 1.
 DR PROSITE: PS00518; ZF_RING_1; 1.
 KW Receptor; Zinc-finger.
 SQ SEQUENCE 508 AA; 56751 MW; 74B8B26BFCF9B1C4 CRC64;
 Query Match 27.8%; Score 832; DB 11; Length 508;
 Best Local Similarity 33.6%; Pred. No. 3.3e-44;
 Matches 197; Conservative 89; Mismatches 194; Indels 106; Gaps 18;
 QY 7 MDAAGTLQPPPLKLPDNGAGSVLPEQGYKEKFKVT-VEDKYCEKCRILVLCNPKQ 65
 DB 1 MAASVTSRPSLELLP-----GFSKTLTGRLKELKYLCSCKNITLRPPQA 47
 QY 66 ECGHRFCESCM-----ALLSSSPK-CTAC-----QESIT--KDRVFNCKKREI 109
 DB 48 OCHHRVCSFCLTILRCASLSSSGPQNCACVLEGISLSSSAFPDMMARREV 107
 QY 110 LAQVYCRNDRGCAQQLTGLHVLHLKNEQFEELPCLRADCKEYLRKLDHRYEKAC 169
 DB 108 ESILPVCPPND--GCTWKGTLKYESCHEGICPLLTCC--PACKGLVRLSEKHNTEQBC 163
 QY 170 KYREATCSHCKSQVPMIKQKHEDTDCPCVVVSCPHKCSVQTLRSLSAHLSECVNAPS 229
 DB 164 PKRLSLSCQHRAPCSHVDELVNHEV-CPRKPLTC-DGCGKKKIPRETPDHYRACKV 221
 QY 230 TCSFKRYGCVFQGNQITKAHEASSAVQHVNLKEMWSLEKRVSLDNE 279
 DB 222 LCFRHTVVGSEWETENLDHLEQRLREHIALD--LSFLEAQAQSGTLNQVGPPELLQRC 279
 QY 280 SVKKNKSTOSLHNOICSEFIEIEROKEMLRNNEKSLIHLQVVIDSOAKELKELDRPF 339
 DB 280 QILEQK-ITFENIVVLRREVER-----VAATAECSQHRRDDO---- 319
 QY 340 RNMEEADSMKSSVESLQNRVTELESVDKSAGQAARNGLLESQLSRHDOITLVDIRLA 399
 DB 320 -----KIELASKVQGLE-----RSLGLDMLAMA 343
 QY 400 DMDLRFOVLETAHYVGLIMKIRDYKRRKQEAVMGKTLISYQPPYTGFGYKMCARVYL 459
 DB 344 DLEQKVSLELVSTYDGVFWFKISDFRKROEAVAGTRPAIFSPAFYTSRYGKMLRAYVL 403
 QY 460 NGDGMKGTHTLSLFVIMRGEYDALPMPFKOKYTLMLMDQSSSRHHGDGAFKPPNPS 519
 DB 404 NGDGTGRGHTLSLFVYVMGPDALLQMPFNKRVITLMLDH--NNDEHVIDARPPVYTS 462
 QY 520 FKKPTGEMNIASGCPVFAQVTVLEN--NGTIYIKDITIFIKVIVDTSJLPD 564

DB 463 FGRPSDMNIAASGCPLEFCVSKMEKKNKSVYRDALFIRAIYDLTGL 508

RESULT 5

096NT2 PRELIMINARY: PRT: 447 AA.

AC 096NT2: 01-DEC-2001 (TREMBlrel. 19, Created)
 DT 01-DEC-2001 (TREMBlrel. 19, Last sequence update)
 DT 01-JUN-2002 (TREMBlrel. 21, Last annotation update)
 DE CDNA FLJ30124 f1s, clone BRACE1000093, highly similar to TNF receptor associated factor 2.
 OS Homo sapiens (Human).
 OC Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Homiidae; Homo.
 OX NCBI_TaxID=9606;
 RN [1]
 RP SEQUENCE FROM N.A.
 RC TISSUE=CEREBELLUM;
 RA Nishi T., Nakagawa S., Senoh A., Mizuguchi H., Inagaki H., Sugiyama T., Irie R., Otsuki T., Sato H., Wakamatsu A., Ishii S., Yamamoto J., Isono Y., Kawai-Hiro Y., Saito K., Nishikawa T., Kimura K., Yamashita H., Matsuo K., Nakamura Y., Sekine M., Kikuchi H., Kanda K., Wagatsuma M., Murakawa K., Kanehori K., Takahashi-Fujii A., Oshima A., Sugiyama A., Kawakami B., Suzuki Y., Sugano S., Nagahari K., Masuho Y., Nagai K., Isogai T.;
 RT "NEDO human cDNA sequencing project."
 RL Submitted (OCT-2001) to the EMBL/GenBank/DBJ databases.
 CC -1- SIMILARITY: CONTAINS 1 RING-TYPE ZINC FINGER.
 DR EMBL: AK054686; BAB70792.1;
 DR InterPro: IPR002083; MATH;
 DR InterPro: IPR003007; TRAF;
 DR InterPro: IPR001841; ZnF_Ring;
 DR InterPro: IPR001293; ZnF_TRAF;
 DR Pfam: PF00917; MATH; 1.
 DR Pfam: PF00097; zf-C3HC4; 1.
 DR Pfam: PF02176; zf-TRAF; 1.
 DR PROSITE: PS00518; ZF_RING_1; UNKNOWN_1.
 KW Zinc-finger.
 SQ SEQUENCE 447 AA: 49377 MW: 736156E346AB31D7 CRC64;

Query Match 24.3%; Score 727.5; DB 4: Length 447;
 Best Local Similarity 30.5%; Pred. No. 9.4e-38;
 Matches 161; Conservative 80; Mismatches 150; Indels 163; Gaps 16;

DB 7 MDAAGTLQPNPLKLPDRGASVLPEDGKKEKFKVT-VEDKXKCEKRLVLCNPKOT 65
 1 MAASVTPPGSTELLQP-----GFSKTLTGTLKLEAKYLCASCRNVLRRPFQA 47
 QY 66 ECGHRCESGMALLSSSPKCTAC-QESTINDV-----FNDCKCKREILAOVYC 116
 DB 48 QCHHRCSFCLASILSSGPNCAVHEGIEYEGISILESSAFPDMAARVESEIPAVC 107
 QY 117 RNEGCGAEOLTLGHLVHLKNECOFEELP-----CLRAD 151
 DB 108 PSD--GCTWKGTLEKEVMPACGWTAPAYRSRPSSTVDYLVHLYLTGAECALMV 165
 QY 152 CKEKVLKRLDRHVEKACKYREATCSHKSQVPMIKLQKHEDTDCPVVNSCPHKCSVOT 211
 DB 166 EERTELL--LRSCHEGRCPMLTECPACKGLVRLGEKERHLEHECPERSLSGRH-CRA-P 221
 QY 212 LRSSELSAHLSECVNAPSTCSFRKGYCGVQGTNOQIKAHASAVQHVMLLKEMSLDK 271
 DB 222 CCGADVKAHHEVCPRKPLTCD--GCG-----KK 247
 QY 272 KVSILQNESVEKKNKSIQSLHQICSPFEIEROKEMLRNNESKILHLQVIDSQAEKLE 331
 DB 248 KI-----PREKPGD 256
 QY 332 LDKETFRONWEADSMSSVESLQNRVTELESVDKSAGQAARNTGLLESLSRHDOTL 391
 DB 257 QDK-----IALSSKYOLB-----RSI 274

QY 392 SVHDIRLADMRLPROVLETASYNGVLIMKTRDYKRRKQEAVMGKTLSTYSQPYTGFGY 451
 DB 275 GLKDLAMADLEQKVLNEHASTYDGVFTWKTSDFAKKQEAQVAGRIAPALESPATYSKY 334
 QY 452 KMCARVYLNGDMGKGTNLSLFVYMGEDALLPWFPOKVTMLMDGSSRRHLGDAF 511
 DB 335 KMCRLRYLNGDGTGRGTHLSLFVYMGKPDNDLRWPFQKVTMLMDQ--NNREHVIDAF 393
 QY 512 KPDNRSSFFKPTCEMNIAASGCPYFAQVYLE-NGYIKDTEFIKIVYDTSU 564
 DB 394 RPDVTSSEFQPVDMNIAASGCPLEFCVSKMEKKNKSVYRDALFIRAIYDLTGL 447

RESULT 6

090WT6 PRELIMINARY: PRT: 501 AA.

AC 090WT6: 01-DEC-2001 (TREMBlrel. 19, Created)
 DT 01-DEC-2001 (TREMBlrel. 19, Last sequence update)
 DT 01-MAR-2002 (TREMBlrel. 20, Last annotation update)
 DE Tumor necrosis factor receptor associate factor-2.
 OS Carassius auratus (Goldfish).
 OC Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Ostariophysi; Cypriniformes; Cyprinidae; Carassius.
 OX NCBI_TaxID=7957;
 RN [1]
 RP SEQUENCE FROM N.A.
 RA Wang T., Secombes C.J.;
 RT "Cloning and expression of crucian carp tumor necrosis factor receptor associated factor-2 (TRAF2)."
 RL Submitted (OCT-2000) to the EMBL/GenBank/DBJ databases.
 CC -1- SIMILARITY: CONTAINS 1 RING-TYPE ZINC FINGER.
 DR EMBL: AJ297860; CAC82653.1;
 DR InterPro: IPR002083; MATH;
 DR InterPro: IPR003007; TRAF;
 DR InterPro: IPR001841; ZnF_Ring;
 DR InterPro: IPR001293; ZnF_TRAF;
 DR Pfam: PF00917; MATH; 1.
 DR Pfam: PF00097; zf-C3HC4; 1.
 DR Pfam: PF02176; zf-TRAF; 2.
 DR Receptor: Zinc-finger.
 KW Receptor; Zinc-finger.
 SQ SEQUENCE 501 AA: 56503 MW: DE0ED0F8D9DC287 CRC64;

Query Match 23.6%; Score 708; DB 13: Length 501;
 Best Local Similarity 30.9%; Pred. No. 1.8e-36;
 Matches 160; Conservative 86; Mismatches 166; Indels 106; Gaps 14;

QY 39 KEKFTVYEDYKCEKGLVLCNPKOTECGRFCESGMALLSSSPKCTACQ-ESTIKD 97
 DB 32 REVLSVSNRPYKQCCQKEILRKPRQACGHRFPVCFKOLTSSGPIPCACRGAEIFEE 91
 QY 98 KV-----FKDCKCKREILAOVYCNREGGCAEDLTGLHLVHLKNECOFEELPCLR 149
 DB 92 AMSMLNTVAPPDNAAREIDSLPAKCPND--GCSMSGTLKDYDGHGEGRCDERFVNC-- 147
 QY 150 ADCCKKTVLRKDLRDHVEKACKYREATCSHKSQVPMIKLQKHEDTDCPVVNSCPHKCSV 209
 DB 148 EACQAVIILSKDRNRECEARLNCYCKVTENFEIKAHDEL-CQKPRMOC-KDCGK 205
 QY 210 QTLRSELSAHLSECVNAPSTCSFRKGYCGVQGTNOQIKAHASAVQHVMLLKEMSLDK 262
 DB 206 KKIPEKFOERTKCAKSKSCQSEISGCAVVDNGKQDHEQISVMEHLRLMSVLSV 265
 QY 263 -----KWSNLEKQVSLQ-----NESVEK-----NKSISLHNOICS 296
 DB 266 RLRAAGAGWQE--DSGLYRGPEADAPPAGPNAAHNAGRGGPGVQOKTALENTVCV 323
 QY 297 FEIEIEROKEMLRNNESKILHLQVIDSQAEKLELKEIRFPQONNEADSMSSVESL 356
 DB 324 LNRVERSALT-----EALSROHRLDQ-----KIENL 352

```

QY 357 QNRVTELESYDKSAGQARNLTGLESLQSRHDOTLSVHDIRLADMDLRFQVLETASNGV 416
D 353 SNKVRQLE-----RLLMRDQLQLAESQSLRELPCITYDGV 388
QY 417 LINKIRYKRRKROKAVNGKTLSTLYSOPFTYGYGYKMKACARVYNGDMGKSTLSFEVY 476
D 389 FIMKIDAFSRRRODVGGRAPAFMESPFAFYSSKYGKMKCLRLYLNGDGTGTHLSLFEVY 448
QY 477 MRGEYDALLPMPFKOKVTLMLMDQSSRRRLDGAFKPD 514
D 449 MRGKYDALLKMPFSQKVTLMLLDQ--NNREHIDAFRPD 485

RESULT 7
QY 09BUZ4 PRELIMINARY: PRT: 470 AA.
AC 09BUZ4:
DT 01-JUN-2001 (Tremblrel. 17, Created)
DT 01-JUN-2001 (Tremblrel. 17, Last sequence update)
DE 01-JUN-2002 (Tremblrel. 21, Last annotation update)
OS Homo sapiens (Human).
OC Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Homnidae; Homo.
OX NCBI_Taxid=9606;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC TISSUE=EYE;
RA Strausberg R.;
RL Submitted (JAN-2001) to the EMBL/GenBank/DBJ databases.
CC -1- SIMILARITY: CONTAINS 1 RING-TYPE ZINC FINGER.
DR EMBL: BC001769; ANH01769.1;
DR InterPro: IPR002083; MATH.
DR InterPro: IPR003007; TRAF.
DR InterPro: IPR001841; ZnF_Ring.
DR InterPro: IPR001293; ZnF_TRAF.
DR Pfam: PF00917; MATH. 1.
DR Pfam: PF00097; ZF-C3HC4. 1.
DR Pfam: PF02176; ZF-TRAF. 3.
DR SMART: SM00061; MATH. 1.
DR SMART: SM00184; RING. 1.
DR PROSITE: PS00518; ZF_RING_1. 1.
DR Receptor: Zinc-finger.
KW SEQUENCE 470 AA; 53542 MW; A357E0E1081AB88 CRC64;

Query Match 18.7%; Score 560.5; DB 4; Length 470;
Best Local Similarity 24.1%; Pred. No. 2,6e-27;
Matches 142; Conservative 81; Mismatches 173; Indels 193; Gaps 12;

QY 37 GYKREKVKVEEDKYKCEKRLVLCNPKQ--TECGHRCSCSMALLSSSPKCTACQESI 95
D 3 GFDYKFLERPKRRLCLPLCGKPMREPVQYSTCGHRCFCTCLQEFISEGVKCPEDQLPLD 62
QY 96 KDKVEKDNCKKREILALQVYCNHRCGCAEQTLGLHLVHLKNEQFELPC----- 147
D 63 YAKITPDEPLEVQVGLPRLICRHSEBGCWSPRLHLOGHT--NTCSFVYIPCPNRCPKYL 121
QY 148 -----LRADCKE-----KVLKDLR 162
D 122 SHRDLPALHNDPCPKRLKCEFCGDFSEAVESHGMCPOESVYCEKCKCARMKRLLA 181
QY 163 DIVEKACKREKATGCHSCSQAQVPMILQNHEDTDCPCVAVSCPHKCSVOTLLRSELTAHLS 222
D 182 QHATSECPKRPQCTYCKREFVFDTIQSHQ--YQCPRLFLVACPNQCGVGTARADLPGLK 240
QY 223 E-CVAPATSCSEKRYKCYFQGTNOQIKAHKSSAAVOHNLKEMNSLEKRVSLQNSV 281
D 241 DSCNATLVLCPRKDSGCKHRCPKLMAHNVESYKPHLMM----- 281
QY 282 EKNKSIQSLHNOICSEFIEIEROKEMLRNNESKLIHLQRLVDSQAELKELDKETIRPQR 341
D 282 -----CA-----LVSRQDELQELRREL----- 299

```

```

QY 342 NNEADSMKSSVESLQNRVTELESYDKSAGQARNLTGLESLQSRHDOTLSVHDIRLAD 401
D 300 -----BELSV----- 304
QY 402 DLRFQVLETASNGVYLINKIRYKRRKROKAVNGKTLSTLYSOPFTYGYGYKMKACARVYNG 461
D 305 -----GSDGVLYMKIGSYGRRLQEAKKAPNLCEFSFAFYHKKYKQLQVSAPFNG 354
QY 462 DMGKSTLSLFEVYMRGEYDALLPMPFKOKVTLMLMDQ-----SSRRHLGDAFKPDPS 517
D 355 NCSGEGTHLSLYIRVLPAGFONLLEMPFARRRTFSLDQSDPGLAKPQHVETETFPDPNW 414
QY 518 SSFKRP-----TGMNINASCSPVFAQTVLENGTYIKDPTFKVIYD 560
D 415 KNFQKPTGWRGSLDESSLSGFGYKPKFISHQDIRKRYVHDAVFIRAAVE 463

RESULT 8
QY 014848 PRELIMINARY: PRT: 470 AA.
AC 014848:
DT 01-NOV-1996 (Tremblrel. 01, Created)
DT 01-NOV-1996 (Tremblrel. 01, Last sequence update)
DT 01-JUN-2002 (Tremblrel. 21, Last annotation update)
DE Cystein rich domain associated to RING and TRAF protein.
DE MLN 62, CART1.
OS Homo sapiens (Human).
OC Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Homnidae; Homo.
OX NCBI_Taxid=9606;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC TISSUE-BREAST DERIVED METASTATIC LYMPH NODE;
RC MEDLINE=96039245; PubMed=7490069;
RA Tomasetto C., Regnier C.H., Moog-Lutz C., Mattei M.G., Chenard M.P.,
RA Lidereau R., Bassel P., Rio M.C.;
RT "Identification of four novel human genes amplified and overexpressed
RT in breast carcinoma and located to the q11-q21.3 region of chromosome
RT 17."
RL Genomics 28:367-376(1995).
RN [2]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC TISSUE-BREAST DERIVED METASTATIC LYMPH NODE;
RC MEDLINE=96029665; PubMed=7592751;
RA Regnier C.H., Tomasetto C., Moog-Lutz C., Chenard M.P., Wendling C.,
RA Bassel P., Rio M.C.;
RT "Presence of a new conserved domain in CART1, a novel member of the
RT tumor necrosis factor receptor-associated protein family, which is
RT expressed in breast carcinoma."
RL J. Biol. Chem. 270:25715-25721(1995).
RN [3]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC TISSUE-BREAST DERIVED METASTATIC LYMPH NODE;
RC MEDLINE=98175888; PubMed=9507120;
RA Messon R., Regnier C.H., Chenard M.P., Wendling C., Mattei M.G.,
RA Tomasetto C., Rio M.C.;
RT "Tumor necrosis factor receptor associated factor4 (TRAF4) expression
RT pattern during mouse development."
RL Mech. Dev. 71:187-191(1998).
CC -1- SIMILARITY: CONTAINS 1 RING-TYPE ZINC FINGER.
DR EMBL: X80200; CA56491.1;
DR InterPro: IPR002083; MATH.
DR InterPro: IPR003007; TRAF.
DR InterPro: IPR001841; ZnF_Ring.
DR InterPro: IPR001293; ZnF_TRAF.
DR Pfam: PF00917; MATH. 1.
DR Pfam: PF00097; ZF-C3HC4. 1.
DR Pfam: PF02176; ZF-TRAF. 3.
DR SMART: SM00061; MATH. 1.
DR SMART: SM00184; RING. 1.
DR PROSITE: PS00518; ZF_RING_1. 1.
KW Zinc-finger.

```


RL J. Biol. Chem. 0:0-0(1996).
 RN [2]
 RP SEQUENCE FROM N.A.
 RX MEDLINE-97067112; PubMed-8910514;
 RA Ishida T., Mizushima S., Azuma S., Kobayashi N., Tojo T., Suzuki K.,
 RA Alizawa S., Matsumoto T., Mosialos G., Kleif E., Yamamoto T., Inoue J.,
 RT "Identification of TRAF6, a novel tumor necrosis factor receptor
 RT associated factor protein that mediates signaling from an amino
 RT terminal domain of the CD40 cytoplasmic region."
 RT J. Biol. Chem. 271:28745-28748(1996)
 CC -1- SIMILARITY: CONTAINS 1 RING-TYPE ZINC FINGER.
 DR EMBL; D84655; BA12705.1; -
 DR HSSP; P15919; IRMD.
 DR MGI; MGI:108072; Traf6.
 DR Interpro: IPR002083; MATH.
 DR Interpro: IPR000504; RNA_rec_mot.
 DR Interpro: IPR003007; TRAF.
 DR Interpro: IPR001841; ZnF_ring.
 DR Interpro: IPR001293; ZnF_TRAF.
 DR Pfam; PF00917; MATH; 1.
 DR Pfam; PF00917; zf-C3HC4; 1.
 DR Pfam; PF02176; zf-TRAF; 2.
 DR SMART; SM00061; MATH; 1.
 DR SMART; SM00184; RING; 1.
 DR PROSITE; PS00030; RRM_RNP_1; UNKNOWN_1.
 DR PROSITE; PS00518; ZF_RING_1; 1.
 DR Zinc-finger.
 SQ SEQUENCE 530 AA; 60082 MW; 092D820B4CEDB85B CRC64;

Query Match 17.9%; Score 535; DB 11; Length 530;
 Best Local Similarity 25.2%; Pred. No. 1.2e-25;
 Matches 144; Conservative 104; Mismatches 236; Indels 88; Gaps 17;

QY 3 SSKKKDAAGTLOPRLPLDPRGASV-----LYPEGGYKKEKVKVKEKCKE 54
 DB 13 SOSSSDCCAMAAASAAVAKDDSVSGSASTGNLSSSEFEEIQQIDVEFDPLESKYECP 72
 QY 55 CRLVLCNPKQTECGHRCFESCMALLSSSPKCTACOCESITIKDYFKNCKRETLA 114
 DB 73 CLMALREAVPTPCGHRFCACIKSIRBAGHKCPVDNEILLNOLFPNFAKRELISLT 132
 QY 115 YCRNGRCACADLTGLHLVHLKNECOFEELPCRLADCKEVLKRLDHYEAKCKYREA 174
 DB 133 KCPN--KGLCKMELRLIEDH-QVNHCFALVNC--PQCRPFQKCOVTHIECCPRQV 187
 QY 175 TCSHCKSOVPMIKLOKHEDTDCPCVVVSCPHKCSVOTLLRSELASHL--ECVNA 233
 DB 188 SCVNAVSMAVEKEITH-DQSCPLANTICET-CGT-IILREOMPNIYDLDCPTAPIC 244
 QY 234 KRYGCVFQGTNOQIKAHESASAVOHVNLKEMSNLEKKVSLLONESVEKNKSIQSL 293
 DB 245 SVFGCHKQKRNHRLARHLOENTOLHMRLL-----AQAVHNV 280
 QY 294 ICSFEIEIEROKEMLRNNEKSLILQRYIDSOAEKLEKELDKETRPFRONWEADSM 353
 DB 281 NLAL-----RPCDAAP-----SRGCRPEDEPNYEE-----TI 307
 QY 354 ESLQNRVTELESVDKSAQAARNTGLLESQSRHDOTLSVHDILADMDLRFVLE 413
 DB 308 KOLSERLVROHDIRELTAKEIOTSMYVGELEKRTITL---EDVVAEE-----E 357
 QY 414 NGVLIMKTRDYKRRKQEAVMKLTSLVSQPEYTYGFGYKMCARVYL--GDGMGK 472
 DB 358 NGIYIMKIGKFGMHLKSOEERPRVHISPGYTGRCYKLCIMRHLQLPTRQACAN 417
 QY 473 FEVIMRGEYDALLPMPKOKVTLMLMDGSS--RRHLGDAFKPDPNSSSEKPKET 530
 DB 418 FVHTMGGEDSHLPMPKOGITRLTLLDQSESLIRONHEEVADAPPELLAFPIPR 477
 QY 531 S-GCPVFAQTVLENGYIKDTEIFIKYIVDT 561
 DB 478 GFGVYTFMHLALRGTFIKDITLVRCVST 509

RESULT 11
 ID Q9BIW7 PRELIMINARY; PRT; 462 AA.
 AC Q9BIW7;
 DT 01-JUN-2001 (TrEMBLrel. 17, Created)
 DT 01-JUN-2001 (TrEMBLrel. 17, Last sequence update)
 DT 01-MAR-2002 (TrEMBLrel. 20, Last annotation update)
 DE TRF-1
 OS Caenorhabditis elegans.
 OC Eukaryota; Metazoa; Nematoda; Chromadorea; Rhabditida; Rhabditidae;
 OC Rhabditidae; Pelodidae; Caenorhabditis.
 OC NCBI_Taxid=6239;
 RN [1]
 RP SEQUENCE FROM N.A.
 RX MEDLINE-2140711; PubMed-11516642;
 RA Pujoil N., Link E.M., Liu L.X., Kurz C.L., Allong G., Tan M.,
 RA Ray K.P., Solari R., Johnson C.D., Embank J.J.,
 RT "A reverse genetic analysis of components of the Toll signaling
 RT pathway in Caenorhabditis elegans."
 RT Curr. Biol. 11:809-821(2001).
 RL EMBL; AF348168; AK37546.1; -
 DR Interpro: IPR002083; MATH.
 DR Interpro: IPR003007; TRAF.
 DR Interpro: IPR001841; ZnF_ring.
 DR Interpro: IPR001293; ZnF_TRAF.
 DR Pfam; PF00917; MATH; 1.
 DR Pfam; PF02176; zf-TRAF; 2.
 DR SMART; SM00061; MATH; 1.
 DR SMART; SM00184; RING; 1.
 SQ SEQUENCE 462 AA; 52354 MW; E07E04BF1756B343 CRC64;

Query Match 17.5%; Score 523.5; DB 5; Length 462;
 Best Local Similarity 26.2%; Pred. No. 5.2e-25;
 Matches 137; Conservative 68; Mismatches 188; Indels 129; Gaps 12;

QY 52 CCKRLVLCNPKQTECGHRCFESCMALLSSSPKCTACOCESITIKDYFKNCKRETLA 111
 DB 18 CPICEQALRPRLYLNDHNCROCFER--ENKRPACACOTTIOPELCOHRAKOKO 75
 QY 112 LOYVCRNEGRCACADLTGLHLVHLKNECOFE-ELPCLRADCKEVLKRLDHYEAK 170
 DB 76 LPVCTFEFSSGCPWDQGLTLDHDL-SECTFKSLICEK--CGRPAKNDLEKRAK-CE 131
 QY 171 YKATGSHCKSOVPMIKLOKHEDTDCPCVVVSCPHKCSVOTLLRSELASHLSECV 230
 DB 132 LNRVCSFCNKTRIDSDREHNPRT-CPOYIISCPFCGGLDRPRLEIEAHCPSPV 190
 QY 231 CSFRRYCVFQGTNOQIKAHESASAVOHVNLKEMSNLEKKVSLLONESVEKNKSIQ 290
 DB 191 CPEVPTGCTAGCKESIQOHLSDPEVRHLMYLCDEITDLKGYELM----- 236
 QY 291 HNOICFEIEIEROKEMLRNNEKSLILQRYIDSOAEKLEKELDKETRPFRONWEAD 350
 DB 237 -----ERDMGSFNDROTRL-----SAAETCTEM----- 260
 QY 351 SSVESLQNRVTELESVDKSAQAARNTGLLESQSRHDOTLSVHDILADMDLRFVLE 410
 DB 261 ----- 260
 QY 411 ASYNGVLIMKTRDYKRRKQEAVMKLTSLVSQPEYTYGFGYKMCARVYL--GDGMG 470
 DB 261 --FGPPLIKKIDLDLQORTLEAKSGATITLFSVPFMRHREGYKMCACACLF 318
 QY 471 SLEFVIMRGEYDALLPMPKOKVTLMLMDGSS--SRHLGDAFKPDPNSSSEKPKET 524
 DB 319 SLVLLKLEGEFETLEMPRAIKISLIDQNPREDRVNITVYIDPRKLKANEKFLAP 378
 QY 525 GEMNIASGCPVFAQTVLENGYIKDTEIFIKYIVDTSD-LP 565
 DB 379 GERNAAFSGSOSFCSLAIQNI--YVKDKITVQIDVDRCTLP 418

QY 402 DLRFQVLETASYNGVLIWKIRDYKRRKQEAVMGKTLISYSPFTGYFGYKMCARYLNG 461
 DB 305 -----GSDGVLIWKIGSGYGRLOGEKAKPNECSPAFYTKYKTKLOVSLNG 354
 QY 462 DGMGKTHLSLFVIMRGEVDALLPMPFKQVTLMLMDG-----SSRHLGDAFKDPNS 517
 DB 355 NGSGEGTHLSIYIRVLPAGAFNDLLEWPLARVTFSLDSDPLAKPQVHTFHFDPNM 414
 QY 518 SSFRKP-----TGMNINAGCPVFAQVLENGYIKDPTIFIKYIVD 560
 DB 415 KNFGKGTMRGSLDESSLFGYKPKFTSHODIRKRVNRYDDAVFIRASVE 463

RESULT 14
 QYUC5 PRELIMINARY: PRT: 412 AA.

AC 09UAC5: 01-MAY-2000 (TREMBlrel. 13, Created)
 DT 01-MAY-2000 (TREMBlrel. 13, Last sequence update)
 DT 01-MAR-2002 (TREMBlrel. 20, Last annotation update)
 DE TRAF1.
 GN TRAF1 OR CG3048.
 OS Drosophila melanogaster (Fruit fly).
 OC Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Tracheata; Hexapoda; Insecta;
 OC Pterygota; Neoptera; Endopterygota; Diptera; Brachycera; Muscomorpha;
 OC Ephydroidea; Drosophilidae; Drosophila.
 NCBI_TaxId=7227;
 RX NCBI_TaxId=7227;
 RN [1]
 RP SEQUENCE FROM N.A.
 RA Medzhilov R., Janeway C.;
 RT "Drosophila TRAF proteins are components of innate host defense
 pathways.";
 RL Submitted (Jul-1998) to the EMBL/Genbank/DBJ databases.
 RN [2]
 RP SEQUENCE FROM N.A.
 RA Richter B.W.M., Duckett C.S.;
 RT Identification of a Drosophila TRAF homolog.";
 RL Submitted (DEC-1998) to the EMBL/Genbank/DBJ databases.
 DR EMBL: AF079837; AAD47894.1;
 DR EMBL: AF114423; AAG21891.1;
 DR FlyBase: FBgn0026319; Traf1.
 DR InterPro: IPR002083; MATH.
 DR InterPro: IPR003007; TRAF.
 DR InterPro: IPR001293; Znf-TRAF.
 DR Pfam: PF00917; MATH: 1.
 DR Pfam: PF02176; zf-TRAF: 3.
 DR SMART: SM00061; MATH: 1.
 DR SMART: SM00061; MATH: 1.
 SO SEQUENCE 412 AA; 46159 MW; 81A05147AA7D64CE CRC64;

Query Match 16.7%; Score 500; DB 5; Length 412;
 Best Local Similarity 24.9%; Pred. No. 1,3e-23;
 Matches 130; Conservative 73; Mismatches 18; Indels 162; Gaps 11;

QY 48 DKKYKCKLVLCNPKQKCEGRCESMAALSSSKCTACQESTIKDKYVFNCKCR 107
 DB 43 DELRLKGLNCKKHDATQCPN-----KGAQQIPRIMTDLDTCTMR 86
 QY 108 ETLALQVYCRNE--GRGAEOYTLGLHLVHLKNECOFELCLRADCKEYLRKDLRDHY 165
 DB 87 RTRC--EFGQSEFSGALEEH-----NGSGGQEPVYC-EAKCGORILRGMTLHK 133
 QY 166 EKACKYRATGSHCKSQVPMYKLOKHEDTDCPCVVVSCPHKCSVOTLLRSELNHL-SEC 224
 DB 134 SKDCCKRLRRCAHCQREPSADTLPLHA-AQCPRAPLACQPCDAGPIRGLELHNLRDCE 192
 QY 225 VNAFSTGCFKRRGCVFOGTNOIKNAHSSAVOHVNLKEMSNLEKKVSLLOMESYKN 284
 DB 193 OSIAVSCFKEAGCKFKPRQMLHLESLNAAHISTLWALVSLRQGGQIQWL----- 244
 QY 285 KSIOGLHNOICFELIEROKEMLRNNSKILHLQRVIDSOAEKILKELDKIIPFRQWE 344
 DB 245 ----- 244

QY 345 EADSKSSVESLQNVTELESVDKAGQARNTGLLESLSRHDTLSVHDIRLADMDLR 404
 DB 245 -----KSANVSKL----- 251
 QY 405 FOVLFTASVNGVLIWKIRDYKRRKQEAVMGKTLISYSPFTGYFGYKMCARYLNGDM 464
 DB 252 -----SINTGTLMLKTIIDWSKMAEANGKQGLELVSPFTSOYGYKLOASMFELNGCP 306
 QY 465 GKTHLSLFVIMRGEVDALLPMPFKQVTLMLMDG-----SSRHLGDAFKDPNSSPFK 522
 DB 307 GENTHVSYYIKVLPGEYDALLKMPESHITFTLFEQAGNOSGGVAESFYDPTWENQR 366
 QY 523 PTGEMN-IASGCPVFAQVLENGYIKDPTIFIKYIVD 564
 DB 367 PSNEPDQGFGEFPRFISHELLHSRPFIKGTIVFLRVKVDPSKI 409

RESULT 15
 QYUC5 PRELIMINARY: PRT: 486 AA.

AC 09XYRO: 01-NOV-1999 (TREMBlrel. 12, Created)
 DT 01-NOV-1999 (TREMBlrel. 12, Last sequence update)
 DT 01-JUN-2002 (TREMBlrel. 21, Last annotation update)
 DE TRAF1 protein (LD20987P).
 GN TRAF1 OR CG3048.
 OS Drosophila melanogaster (Fruit fly).
 OC Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Tracheata; Hexapoda; Insecta;
 OC Pterygota; Neoptera; Endopterygota; Diptera; Brachycera; Muscomorpha;
 OC Ephydroidea; Drosophilidae; Drosophila.
 NCBI_TaxId=7227;
 RX NCBI_TaxId=7227;
 RN [1]
 RP SEQUENCE FROM N.A.
 RA STRAIN-BERKELEY;
 RC MEDLINE-20196006; Pubmed-10731132;
 RX Adams M.D., Celniker S.E., Holt R.A., Evans C.A., Gocayne J.D.,
 RA Amanatides P.G., Scherer S.E., Li P.W., Hoskins R.A., Galle R.F.,
 RA George R.A., Lewis S.E., Richards S., Ashburner M., Henderson S.N.,
 RA Sutton G.G., Wortman J.R., Yandell M.D., Zhang Q., Chen L.X.,
 RA Brannon R.C., Rogers Y.-H.C., Blazer R.G., Champe M., Pfeiffer B.D.,
 RA Wan K.H., Doyle C., Baxter E.G., Helt G., Nelson C.R., Milos G.L.G.,
 RA Abul J.F., Agbayani A., An H.-J., Andrews-Pfannkoch C., Baldwin D.,
 RA Ballew R.Y., Basu A., Baxendale J., Bayraktaroglu L., Beasley E.N.,
 RA Beeson K.Y., Benos P.V., Berman B.P., Bhandari D., Bolshakov S.,
 RA Borokova D., Botchan M.R., Bouck J., Brockschtein P., Brotlier P.,
 RA Burlis K.C., Busan D.A., Butler H., Cadieu E., Center A., Chandra I.,
 RA Cherry J.M., Cawley S., Dahlke C., Davenport L.B., Davies P.,
 RA de Pablos B., Delcher A., Deng Z., Mays A.D., Dew I., Dietz S.M.,
 RA Dodson K., Doup L.E., Downes M., Dugan-Rocha S., Dunkov B.C., Dunn P.,
 RA Durbin K.J., Evangelista C.C., Ferraz C., Ferreira S., Fleischmann W.,
 RA Gloder A., Gong F., Gorrell J.H., Gu Z., Guan P., Harris M.,
 RA Harris N.L., Harvey D., Heiman T.J., Hernandez J.R., Houck J.,
 RA Hostin D., Houston K.A., Howland T.J., Wei M.-H., Ibegwam C.,
 RA Jalali M., Kalush F., Karpen G.H., Ke Z., Kennison J.A., Ketchum K.A.,
 RA Kimmel B.E., Kodira C.D., Kraft C., Kravitz S., Kulp D., Lai Z.,
 RA Lasko P., Lei Y., Levitsky A.A., Li J., Li Z., Liang Y., Lin X.,
 RA Liu X., Mattei B., McIntosh T.C., McLeod M.P., McPherson D.,
 RA Merkulov G., Milshina N.V., Mobarry C., Morris J., Moshrefi A.,
 RA Mount S.M., Moy M., Murphy B., Murphy L., Muzny D.M., Nelson D.L.,
 RA Nelson D.R., Nelson K.A., Nixon K., Nusskern D.R., Pacle J.M.,
 RA Palazzolo M., Pittman K.S., Pan S., Pollard R., Puri V., Reese M.G.,
 RA Reinert K., Remington K., Saunders R.D.C., Scheeler F., Shen H.,
 RA Shier B.C., Siden-Klamos I., Simpson M., Skupski M.P., Smith T.,
 RA Spier E.C., Spradling A.C., Stapleton M., Strong R., Sun E.,
 RA Svirskas R., Tector C., Turner R., Venter E., Wang A.H., Wang X.,
 RA Wang Z.-Y., Wasserman D.A., Weinstein G.M., Weissbach J.,
 RA Williams S.M., Woodage T., Worley K.C., Wu D., Yang S., Yao Q.A.,
 RA Ye J., Yeh R.-F., Zaveri J.S., Zhan M., Zhang G., Zhao Q., Zheng L.,
 RA Zheng X.H., Zhong F.N., Zhong W., Zhou X., Zhu S., Zhu X., Smith H.O.,
 RA Gibbs R.A., Myers E.W., Rubin G.M., Venter J.C.;
 RT "The genome sequence of Drosophila melanogaster.";
 RL Science 287:2185-2195(2000).

